

## PROGETTO DI RICERCA

### Malattie delle piante causate da batteri fitopatogeni: analisi fenotipica e genotipica dei batteri e ruolo del microbiota vegetale in diversi patosistemi.

Il controllo delle batteriosi vegetali ancora oggi è affidato all'impiego di antibiotici, nei Paesi dove è permesso, o di interventi di tipo preventivo che si basano quasi esclusivamente sull'uso di composti rameici sotto forma di spray distribuiti sulla superficie delle piante. L'urgenza di mettere a punto formulati a base di agenti battericidi in grado di agire nella pianta in cui è in atto la malattia o di interferire con la crescita del patogeno già presente come endofita all'interno della pianta-ospite, che può rimanere asintomatica per molti anni, è sempre più impellente. Inoltre, nelle interazioni pianta-patogeno, è necessario chiarire il ruolo del microbiota presente nei diversi habitat vegetali che influenzano lo stato di salute della pianta.

In diversi patosistemi di particolare interesse agrario (ad es. pomodoro-*Ralstonia solanacearum*, fragola-*Xanthomonas fragariae*, nocciolo-*Xanthomonas arboricola* pv. *corylina*) e di interesse ornamentale, lo studio delle interazioni degli agenti causali con il microbiota vegetale è essenziale per chiarire l'epidemiologia dei batteri fitopatogeni e di conseguenza per adottare delle strategie di lotta efficaci.

*Ralstonia solanacearum* (Rs) è l'agente causale dell'avvizzimento batterico in numerose specie vegetali ed è uno dei più importanti batteri fitopatogeni caratterizzato da un'ampia variabilità genetica che si riflette in un'ampia variabilità della virulenza e della capacità di sopravvivenza nelle piante ospiti e in un'ampia distribuzione geografica. Attualmente, Rs è definito *Ralstonia solanacearum* species complex (RSSC) in cui sono incluse tre specie: *Ralstonia solanacearum*, *Ralstonia pseudosolanacearum* and *Ralstonia syzygii*. In Emilia-Romagna, la presenza di Rs è stata rilevata in piante di patata e pomodoro, nelle acque reflue e superficiali nei pressi delle coltivazioni.

*Xanthomonas fragariae* (Xf) causa la maculatura angolare della fragola che, tra le batteriosi della fragola, è la più rilevante e nel settore vivaistico rappresenta un grave problema per la produzione di materiale vegetale esente da agenti patogeni. Infatti, questa malattia desta particolare preoccupazione proprio per le importanti perdite di produzione che hanno un forte impatto economico e per la mancanza di adeguate strategie di controllo.

*Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* (Xac) causa la necrosi batterica del nocciolo (*Corylus avellana*) che attualmente a livello mondiale è considerata una delle principali malattie presenti in tutte le aree di coltivazione del nocciolo. La specie *Xanthomonas arboricola* presenta un'elevata variabilità genetica e comprende 9 patovar (*corylina*, *pruni*, *juglandis*, *celebensis*, *populi*, *fragariae*, *arracaciae*, *guizotiae* e *zantedeschiae*) tra cui appunto la *corylina*.

L'ippocastano, *Aesculus hippocastanum*, dal 2017 è inserito come specie vulnerabile nella lista rossa delle specie minacciate dell'Unione Internazionale per la Conservazione della Natura europea perché in base alle attuali conoscenze sulle tendenze della sua popolazione e sulle recenti minacce è a rischio di estinzione nel prossimo futuro. In particolare, tra gli stress biotici, l'ippocastano è minacciato da *Cameraria ohridella* e da *Pseudomonas syringae* pv. *aesculi* (Psae) che causa il cancro sanguinante e che dal 2000 sta estendendo il suo areale nel Regno Unito, nei Paesi Bassi e in altri paesi europei ma, al momento, non è mai stato segnalato in Italia. Nel laboratorio di Fitobatteriologia del DISTAL sono stati isolati diversi batteri da campioni di ippocastano che mostrava i tipici sintomi del cancro sanguinante di Psae, ma nessun isolato è stato identificato come Psae, piuttosto sono stati identificati diversi batteri opportunisti o patogeni animali.

Data l'elevata variabilità generica dei batteri fitopatogeni considerati nei diversi patosistemi sopra riportati e la loro interazione con il microbiota vegetale, la caratterizzazione fenotipica e molecolare/filogenetica è di fondamentale importanza per chiarire importanti aspetti epidemiologici indispensabili per la messa a punto di strategie integrate di lotta per il controllo di queste importanti malattie delle piante.

## SCOPO DEL PROGETTO

In diversi patosistemi coinvolgenti piante di particolare interesse agrario e di interesse ornamentale, la caratterizzazione fenotipica e genotipica dei batteri fitopatogeni responsabili delle malattie nelle piante ospiti e di agenti batterici opportunisti o patogeni animali presenti nel tessuto vegetale è di rilevante importanza per la comprensione dei meccanismi patobiotici che determinano l'evolversi della malattia. Inoltre, una migliore comprensione del microbiota vegetale è essenziale per lo studio epidemiologico dei diversi batteri fitopatogeni. In particolare, l'individuazione di importanti fattori epidemiologici assume un ruolo chiave nella messa a punto di strategie di controllo dei batteri fitopatogeni coinvolti nei diversi patosistemi.

## PIANO DI ATTIVITÀ

L'attività di ricerca dell'assegnista avrà i seguenti tre obiettivi:

- **1. Caratterizzazione fenotipica di ceppi di batteri fitopatogeni e di agenti batterici opportunisti o patogeni animali isolati da tessuto vegetale sintomatico o asintomatico.**  
La caratterizzazione fenotipica di ceppi di batteri fitopatogeni di particolare rilevanza economica (ad es. *Ralstonia solanacearum* (Rs), *Xanthomonas fragariae* (Xf), *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* (Xac), ecc.) provenienti da collezioni batteriche (ad es. Fitobatteriologia – DISTAL, Università di Bologna e Settore Fitosanitario e Difesa delle Produzioni, Regione Emilia-Romagna) e isolati da materiale vegetale sintomatico o asintomatico sarà effettuata mediante il sistema Omnilog (Biolog).
- **2. Caratterizzazione molecolare di ceppi di batteri fitopatogeni e di agenti batterici opportunisti o patogeni animali isolati da tessuto vegetale sintomatico o asintomatico.**  
La caratterizzazione molecolare di ceppi di batteri fitopatogeni di particolare rilevanza economica provenienti da collezioni batteriche (ad es. Fitobatteriologia – DISTAL, Università di Bologna e Settore Fitosanitario e Difesa delle Produzioni, Regione Emilia-Romagna) e isolati da materiale vegetale sintomatico o asintomatico sarà effettuata mediante analisi Rep-PCR e analisi di sequenziamento (ad es. rRNA 16S, WGS) con particolare riguardo per i geni connessi alla patogenesi.
- **3. Caratterizzazione del microbiota vegetale.**  
In diversi patosistemi (ad es. pomodoro-Rs, fragola-Xf, nocciolo-Xac, ecc) e di interesse ornamentale (ad es. ippocastano e agenti causali di cancri sanguinanti) sarà effettuata una preliminare caratterizzazione del microbiota vegetale utilizzando le micropiastre EcoPlate (Biolog) con l'obiettivo di chiarire il ruolo del microbiota nell'epidemiologia dei batteri fitopatogeni considerati.